

Figure 1A

Identity to SeqID No:1 is indicated by a dot, and a dash ("-") indicates a missing nucleotide.

```

          *           20           *           40           *
Seqid1 : ATGAGATCTTCTTTCCGGTTGAAGCCGATTGTTTTTATCTTATGGGTGT : 50
Seqid3 : ..... : 50
Seqid5 : .....C..... : 50

```

```

          60           *           80           *           100
Seqid1 : TATGCTATATCATCATAGTTATGCCGAAGATGCAGGGCGCGCGGGCAGCG : 100
Seqid3 : ..... : 100
Seqid5 : ..C.....T..... : 100

```

```

          *           120           *           140           *
Seqid1 : AGGCGCAGATACAGGTTTTTGAAGATGTGCACGTCAAGGCGAAGCGCGTA : 150
Seqid3 : ..... : 150
Seqid5 : ..... : 150

```

```

          160           *           180           *           200
Seqid1 : CCGAAAGACAAAAAAGTGTTTACCGATGCGCGTGCCGTATCGACCCGTCA : 200
Seqid3 : ..... : 200
Seqid5 : ..... : 200

```

```

          *           220           *           240           *
Seqid1 : GGATATATTCAAATCCAGCGAAAACCTCGACAACATCGTACGCAGCATCC : 250
Seqid3 : ..... : 250
Seqid5 : ..... : 250

```

```

          260           *           280           *           300
Seqid1 : CCGGTGCGTTTACACAGCAAGATAAAAGCTCGGGCATTGTGTCTTTGAAT : 300
Seqid3 : ..... : 300
Seqid5 : ..... : 300

```

Figure 1B

	*	320	*	340	*	
Seqid1	:	ATTCGCGGCGACAGCGGGTTCGGGCGGGTCAATACGATGGTGGACGGCAT	:	350		
Seqid3	:	:	350		
Seqid5	:	:	350		
		360	*	380	*	400
Seqid1	:	CACGCAGACCTTTTATTCGACTTCTACCGATGCGGGCAGGGCAGGCGGTT	:	400		
Seqid3	:	:	400		
Seqid5	:	:	400		
			*	420	*	440
Seqid1	:	CATCTCAATTCGGTGCATCTGTGCGACAGCAATTTTATTGCCGGACTGGAT	:	450		
Seqid3	:	:	450		
Seqid5	:	:	450		
		460	*	480	*	500
Seqid1	:	GTCGTCAAAGGCAGCTTCAGCGGCTCGGCAGGCATCAACAGCCTTGCCGG	:	500		
Seqid3	:	:	500		
Seqid5	:	:	500		
			*	520	*	540
Seqid1	:	TTCGGCGAATCTGCGGACTTTAGGCGTGGATGACGTCGTTTCAGGGCAATA	:	550		
Seqid3	:	:	550		
Seqid5	:	:	550		
		560	*	580	*	600
Seqid1	:	ATACCTACGGCCTGCTGCTAAAAGGTCTGACCGGCACCAATTCAACCAA	:	600		
Seqid3	:	:	600		
Seqid5	:	:	600		
			*	620	*	640
Seqid1	:	GGTAATGCGATGGCGGCGATAGGTGCGCGCAAATGGCTGGAAAGCGGAGC	:	650		

Figure 1C

```
Seqid3 : ..... : 650
Seqid5 : ..... : 650

        660          *          680          *          700
Seqid1 : ATCTGTCGGTGTGCTTTACGGGCACAGCAGGCGCACGTGGGCGCAAAATT : 700
Seqid3 : .....GCGT..... : 700
Seqid5 : .....GCGT..... : 700

        *          720          *          740          *
Seqid1 : ACCGCGTGGGCGGGCGGGCAGCACATCGGAAATTTTGGCGCGGAATAT : 750
Seqid3 : ..... : 750
Seqid5 : ..... : 750

        760          *          780          *          800
Seqid1 : CTGGAACGGCGCAAACAGCGATATTTTGTACAAGAAGCGGGTTGAAATT : 800
Seqid3 : .....G..... : 800
Seqid5 : T.....G.....G..T.CT..... : 800

        *          820          *          840          *
Seqid1 : CAATTCCAACAGCGGAAATGGGAGCGGGATTTCCAAAGGCCGTACTGGA : 850
Seqid3 : ..... : 850
Seqid5 : .....G.....A.....AAC.G... : 850

        860          *          880          *          900
Seqid1 : AAACCAAGTGGTATCAAAAATACAATGACCCCCAAGAACTGCAAAAATAC : 900
Seqid3 : ..... : 900
Seqid5 : ..TA...CC...A...T...CA---.....A..... : 897

        *          920          *          940          *
Seqid1 : ATCGAAGGTCATGACAAAAGCTGGCGGGAAAACCTGGCGCCGCAATACGA : 950
Seqid3 : ..... : 950
Seqid5 : ..... : 947
```

Figure 1D

	960	*	980	*	1000	
Seqid1	:	CATCACCCCATCGATCCGTCCAGCCTGAAGCAGCAGTCGGCAGGCAATC	:	1000		
Seqid3	:	:	1000		
Seqid5	:	:	997		

	*	1020	*	1040	*	
Seqid1	:	TGTTTAAATTGGAATACGACGGCGTATTCAATAAATACACGGCGCAATTT	:	1050		
Seqid3	:	:	1050		
Seqid5	:	:	1047		

	1060	*	1080	*	1100	
Seqid1	:	CGCGATTTTAAACACCAAAATCGGCAGCCGCAAAATCATCAACCGCAATTA	:	1100		
Seqid3	:	:	1100		
Seqid5	:	:	1097		

	*	1120	*	1140	*	
Seqid1	:	TCAATTCAATTACGGTTTATCTTTAAACTCATATGCCAACCTCAATCTGA	:	1150		
Seqid3	:	:	1150		
Seqid5	:	...G.....G....G...C.G...A.....	:	1147		

	1160	*	1180	*	1200	
Seqid1	:	CCGCAGCCTACAATTCTGGGCAGGCAGAAATATCCGAAAGGGTCGAAGTTT	:	1200		
Seqid3	:	:	1200		
Seqid5	:	:	1197		

	*	1220	*	1240	*	
Seqid1	:	ACAGGCTGGGGGCTTTTAAAAGATTTTGAAACCTACAACAACGCGAAAAT	:	1250		
Seqid3	:	:	1250		
Seqid5	:G.....	:	1247		

	1260	*	1280	*	1300	
Seqid1	:	CCTCGACCTCAACAACACCGCCACCTTCCGGCTGCCCCGCGAAACCGAGT	:	1300		
Seqid3	:	:	1300		
Seqid5	:	:	1297		

Figure 1E

 * 1320 * 1340 *

Seqid1 : TGCAAACCAC TTTGGGCTTCAATTATTTCCACAACGAATACGGCAAAAAC : 1350

Seqid3 : : 1350

Seqid5 : : 1347

 1360 * 1380 * 1400

Seqid1 : CGCTTTCCTGAAGAATTGGGGCTGTTTTTCGACGGTCCGGATCAGGACAA : 1400

Seqid3 : : 1400

Seqid5 :T..... : 1397

 * 1420 * 1440 *

Seqid1 : CGGGCTTTATTCTTATTTGGGGCGGTTTAAGGGCGATAAAGGGCTGCTGC : 1450

Seqid3 : : 1450

Seqid5 : : 1447

 1460 * 1480 * 1500

Seqid1 : CCCAAAAATCAACCATCGTCCAACCGGCCGCGCAGCCAATATTTCAACACG : 1500

Seqid3 : : 1500

Seqid5 :T..... : 1497

 * 1520 * 1540 *

Seqid1 : TTCTACTTCGATGCCGCGCTCAAAAAAGACATTACCGCTTAAACTACAG : 1550

Seqid3 : : 1550

Seqid5 : : 1547

 1560 * 1580 * 1600

Seqid1 : CACCAATACCGTCGGCTACCGTTTCGGCGGCGAATATACGGGCTATTACG : 1600

Seqid3 : : 1600

Seqid5 : : 1597

 * 1620 * 1640 *

Seqid1 : GCTCGGATGACGAATTTAAGCGGGCATTTCGGAGAAAACTCGCCGACATAC : 1650

Figure 1F

Seqid3 : : 1650
Seqid5 : : 1647

1660 * 1680 * 1700
Seqid1 : AAGAAACATTGCAACCAGAGCTGCGGAATTTATGAACCCGTATTGAAAAA : 1700
Seqid3 : : 1700
Seqid5 :G.....G..... : 1697

* 1720 * 1740 *
Seqid1 : ATACGGCAAAAAGCGCGCCAACAACCATTCGGTCAGCATTAGTGCGGACT : 1750
Seqid3 : : 1750
Seqid5 : : 1747

1760 * 1780 * 1800
Seqid1 : TCGGCGATTATTTTCATGCCGTTGCCAGCTATTCGCGCACACACCGTATG : 1800
Seqid3 : : 1800
Seqid5 : : 1797

* 1820 * 1840 *
Seqid1 : CCCAACATCCAAGAAATGTATTTTTCCCAAATCGGCGACTCCGGCGTTCA : 1850
Seqid3 : : 1850
Seqid5 : : 1847

1860 * 1880 * 1900
Seqid1 : CACCGCCTTAAAACCAGAGCGCGCAAACACTTGGCAATTTGGCTTCAATA : 1900
Seqid3 : : 1900
Seqid5 : : 1897

* 1920 * 1940 *
Seqid1 : CCTATAAAAAAGGATTGTTAAAACAAGATGATACATTAGGATTAAACTG : 1950
Seqid3 : : 1950
Seqid5 : : 1947

Figure 1G

	1960	*	1980	*	2000	
Seqid1	:	GTCGGCTACCGCAGCCGCATCGACA	ACTACATCCACAACGTTTACGGGAA	:	2000	
Seqid3	:		:	2000	
Seqid5	:		:	1997	

	*	2020	*	2040	*	
Seqid1	:	ATGGTGGGATTTGAACGGGAATATTCCGAGCTGGGTCAGCAGCACCGGGC	:	2050		
Seqid3	:	:	2050		
Seqid5	:G.....	:	2047		

	2060	*	2080	*	2100	
Seqid1	:	TTGCCTACACCATCCAACACCGCAATTTCAAAGACAAAGTACACAAACAC	:	2100		
Seqid3	:	:	2100		
Seqid5	:T.....G.....	:	2097		

	*	2120	*	2140	*	
Seqid1	:	GGTTTTGAGTTGGAGCTGAATTACGATTATGGGCGTTTTTTCACCAACCT	:	2150		
Seqid3	:	:	2150		
Seqid5	:	:	2147		

	2160	*	2180	*	2200	
Seqid1	:	TTCTTACGCCTATCAAAAAAGCACGCAACCGACCAACTTCAGCGATGCGA	:	2200		
Seqid3	:	:	2200		
Seqid5	:	:	2197		

	*	2220	*	2240	*	
Seqid1	:	GCGAATCGCCCCAACAATGCGTCCAAAGAAGACCAACTCAAACAAGGTTAT	:	2250		
Seqid3	:	:	2250		
Seqid5	:	:	2247		

	2260	*	2280	*	2300	
Seqid1	:	GGGTTGAGCAGGGTTTCCGCCCTGCCGCGAGATTACGGACGTTTGGAAGT	:	2300		
Seqid3	:	:	2300		

Figure 1H

Seqid5 : : 2297

 * 2320 * 2340 *

Seqid1 : CGGTACGCGCTGGTTGGGCAACAACTGACTTTGGGCGGCGGATGCGCT : 2350

Seqid3 : : 2350

Seqid5 : : 2347

 2360 * 2380 * 2400

Seqid1 : ATTTTCGGCAAGAGCATCCGCGCGACGGCTGAAGAACGCTATATCGACGGC : 2400

Seqid3 : : 2400

Seqid5 : : 2397

 * 2420 * 2440 *

Seqid1 : ACCAACGGGGGAAATACCAGCAATGTCCGGCAACTGGGCAAGCGTTCCAT : 2450

Seqid3 : : 2450

Seqid5 :T..... : 2447

 2460 * 2480 * 2500

Seqid1 : CAAACAAACCGAAACCCTTGCCCGCCAGCCTTTGATTTTTGATTTTTACG : 2500

Seqid3 : : 2500

Seqid5 :T..... : 2497

 * 2520 * 2540 *

Seqid1 : CCGCTTACGAGCCGAAGAAAAACCTTATTTTCCGCGCCGAAGTCAAAAAT : 2550

Seqid3 : : 2550

Seqid5 : : 2547

 2560 * 2580 * 2600

Seqid1 : CTGTTTCGACAGGCGTTATATCGATCCGCTCGATGCGGGCAATGATGCGGC : 2600

Seqid3 : : 2600

Seqid5 : : 2597

Figure 1I

 * 2620 * 2640 *

Seqid1 : AACGCAGCGTTATTACAGTTCGTTTCGACCCGAAAGACAAGGACGAAGAAG : 2650

Seqid3 : : 2650

Seqid5 :C.....C. : 2647

 2660 * 2680 * 2700

Seqid1 : TAACGTGTAATGCTGATAAAACGTTGTGCAACGGCAAATACGGCGGCACA : 2700

Seqid3 : : 2700

Seqid5 : : 2697

 * 2720 * 2740 *

Seqid1 : AGCAAAAGCGTATTGACCAATTTTGCACGCGGACGCACCTTTTGTATAAC : 2750

Seqid3 : : 2750

Seqid5 : : 2747

 2760

Seqid1 : GATGAGCTACAAGTTTTAA : 2769

Seqid3 : : 2769

Seqid5 : : 2766

Figure 2A

Identity to SeqID No:2 is indicated by a dot, and a dash ("-") indicates a missing amino acid.

```

          *           20           *           40           *
Seqid2 : MRSSFRLKPICFYLMGVMLYHHSYAEDAGRAGSEAQIQVLEDVHVKA KRV : 50
Seqid4 : ..... : 50
Seqid6 : .....T...Y..... : 50

```

```

          60           *           80           *           100
Seqid2 : PKDKKVFTDARAVSTRQDIFKSSSENLDNIVRSIPGAFTQQDKSSGIVSLN : 100
Seqid4 : ..... : 100
Seqid6 : ..... : 100

```

```

          *           120           *           140           *
Seqid2 : IRGDSGFGRVNTMVDGITQTFYSTSTDAGRAGGSSQFGASVDSNFIAGLD : 150
Seqid4 : ..... : 150
Seqid6 : ..... : 150

```

```

          160           *           180           *           200
Seqid2 : VVKGSFSGSAGINSLAGSANLRTLGVDDVVQGNNTYGLLLKGLTGTNSTK : 200
Seqid4 : ..... : 200
Seqid6 : ..... : 200

```

```

          *           220           *           240           *
Seqid2 : GNAMAAIGARKWLESGASVGVLYGHSRRTWAQNYRVGGGGQHIGNFGAEY : 250
Seqid4 : .....SV..... : 250
Seqid6 : .....SV..... : 250

```

Figure 2B

260 * 280 * 300
Seqid2 : LERRKQRYFVQEGGLKFNSNSGKWERDFQRPYWKTKWYQKYNDPQELQKY : 300
Seqid4 : : 300
Seqid6 :A....D.....L..QQ..Y.P.KN..N-..... : 299

* 320 * 340 *
Seqid2 : IEGHDKSWREN LAPQYDITPIDPSSLKQQSAGNLFKLEYDGVFNKYTAQF : 350
Seqid4 : : 350
Seqid6 : : 349

360 * 380 * 400
Seqid2 : RDLN TKIGSRKI INRNYQFN YGLSLNSYANLNLTAAYNSGRQKYPKGSKF : 400
Seqid4 : : 400
Seqid6 :P.T..... : 399

* 420 * 440 *
Seqid2 : TGWGLLKDFETYNNAKILDNLNTATFRLPRETELQTTLGFNYFHNEYGKN : 450
Seqid4 : : 450
Seqid6 : : 449

460 * 480 * 500
Seqid2 : RFPEELGLFFDGPDQDNGLYSYLGRFKGDKGLLPQKSTIVQPAGSQYFNT : 500
Seqid4 : : 500
Seqid6 : : 499

* 520 * 540 *
Seqid2 : FYFDAALKKDIYRLNYSTNTVGYRFGGEYTGYYGSDDEFKRAFGENSPTY : 550
Seqid4 : : 550
Seqid6 : : 549

Figure 2C

560 * 580 * 600
Seqid2 : KKHCNQSCGIYEPVLKKYGKKRANNHVSISADFGDYFMPFASYSRTHRM : 600
Seqid4 : : 600
Seqid6 :R..... : 599

 * 620 * 640 *
Seqid2 : PNIQEMYFSQIGDSGVHTALKPERANTWQFGFNTYKKGLLKQDDTLGLKL : 650
Seqid4 : : 650
Seqid6 : : 649

 660 * 680 * 700
Seqid2 : VGYRSRIDNYIHNVYGKWWDLNGNIPSWVSSTGLAYTIQHRNFKDKVHKH : 700
Seqid4 : : 700
Seqid6 :D..... : 699

 * 720 * 740 *
Seqid2 : GFELELNVDYGRFFFTNLAYQKSTQPTNFSDASESPNNASKEDQLKQGY : 750
Seqid4 : : 750
Seqid6 : : 749

 760 * 780 * 800
Seqid2 : GLSRVSALPRDYGRLEVGTWLGNGKLTGGAMRYFGKSIRATAEERYIDG : 800
Seqid4 : : 800
Seqid6 : : 799

 * 820 * 840 *
Seqid2 : TNGGNTSNVRQLGKRSIKQTETLARQPLIFDFYAAAYEPKKNLIFRAEVKN : 850
Seqid4 : : 850
Seqid6 :F..... : 849

Figure 2D

860 * 880 * 900
Seqid2 : LFD RRYIDPLDAGNDAATQ RYYSSFD PKDKDEEVTCNADKTL CNGKYGGT : 900
Seqid4 : : 900
Seqid6 :D..... : 899

 * 920
Seqid2 : SKSVLTNFARGRTFLITMSYKF : 922
Seqid4 : : 922
Seqid6 : : 921

Figure 3

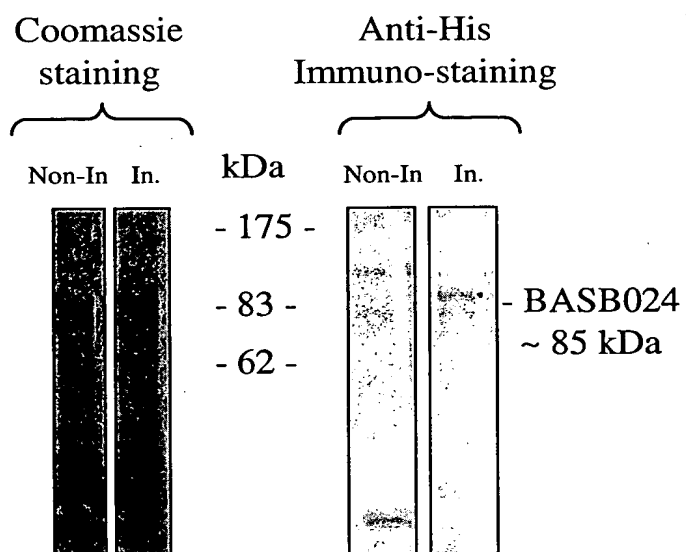
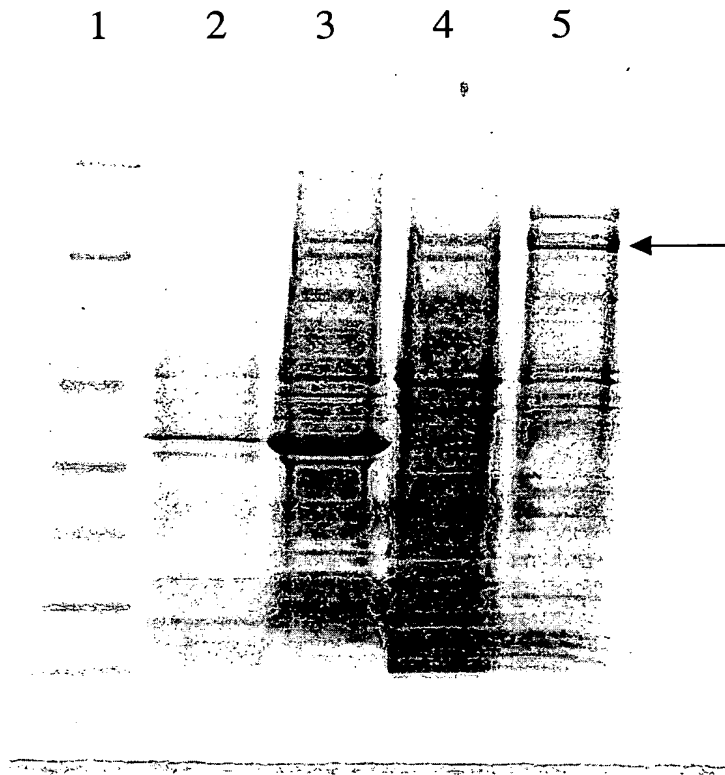
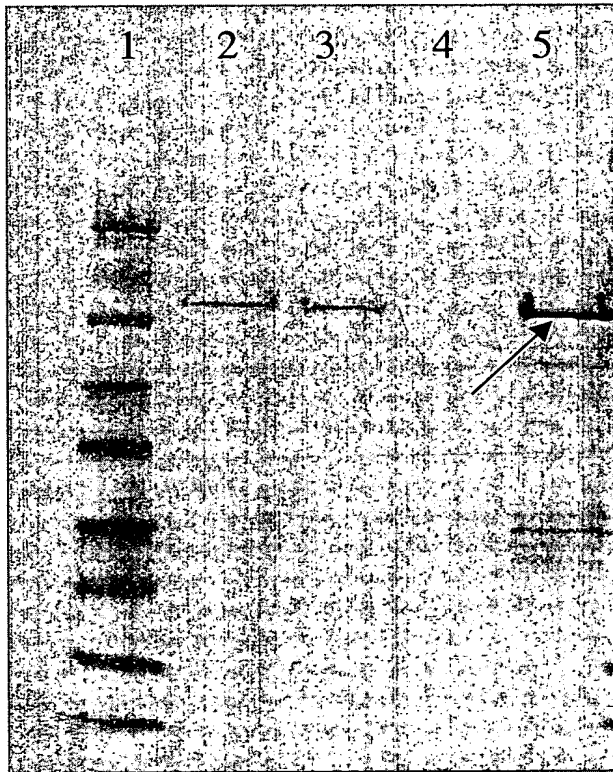


Figure 4



Lanes : 1 : MW : 175, 83, 62, 47.5, 32.5, 25, 16.5, 6.5
 2 : Start
 3 : Flowthrough
 4 : 5 mM imidazole pool
 5 : BASB024 enriched pool

Figure 5



Lanes : 1 : MW : 175, 83, 62, 47.5, 32.5, 25, 16.5, 6.5
 2 : Start
 3 : Flowthrough
 4 : 5 mM imidazole pool
 5 : BASB024 enriched pool

Figure 6

